

GenCore version 5.1.3
Copyright (c) 1993 - 2002 CompuGen Ltd.

OM nucleic - nucleic search, using sw model

Run on: October 30, 2002, 02:37:02 ; Search time 3279 Seconds
(without alignments)
11276.972 Million cell updates/sec

Title: us-09-886-942-8
Perfect score: 1767
Sequence: 1 atatgagcgtatatacgcga.....ttctgcagtcacgcctct 1767

Scoring table: IDENTITY_NDC
Gap 10.0 , Gapext 1.0

Searched: 1797656 seqs, 10463268293 residues

Total number of hits satisfying chosen parameters: 3595312

Minimum DB seq length: 0
Maximum DB seq length: 2000000000

Post-processing: Minimum Match 0%
Maximum Match 100%
Listing first 45 summaries

Database : GenBank:*

1: gb_ba:*

2: gb_hlg:*

3: gb_in:*

4: gb_cm:*

5: gb_ov:*

6: gb_pat:*

7: gb_ph:*

8: gb_pl:*

9: gb_pr:*

10: gb_ro:*

11: gb_sts:*

12: gb_sy:*

13: gb_un:*

14: gb_vl:*

15: em_ba:*

16: em_fun:*

17: em_hum:*

18: em_in:*

19: em_mu:*

20: em_com:*

21: em_or:*

22: em_ov:*

23: em_pat:*

24: em_ph:*

25: em_pl:*

26: em_ro:*

27: em_sts:*

28: em_un:*

29: em_vl:*

30: em_htg_hum:*

31: em_htg_inv:*

32: em_htg_other:*

33: em_htgo_inv:*

Pred. No. is the number of results predicted by chance to have a score greater than or equal to the score of the result being printed, and is derived by analysis of the total score distribution.

Result No. Query Match Length DB ID Description

SUMMARIES

1 1695.2 95.9 2129 6 A01324
2 1695.2 95.9 2133 6 A01323
3 1695.2 95.9 11795 6 AX027785
4 1695.2 95.9 13254 6 AR038307
5 1695.2 95.9 13254 6 AR038321
6 1695.2 95.9 13254 6 I58596
7 1695.2 95.9 13254 6 I58596
8 1695.2 95.9 229354 14 H58610
9 1695.2 95.8 2361 14 H58610
10 1677.6 94.9 7995 12 CV064448
11 1620.4 91.7 6845 6 AX268212
12 1619.4 91.6 3893 12 AF425299
13 1617.4 91.5 4282 6 AX14563
14 1603.6 90.8 5108 6 AX138932
15 1603.6 90.8 5108 6 AX138933
16 1603.6 90.8 5108 6 BD000697
17 1603.6 90.8 5108 6 BD000698
18 1603.6 90.8 5111 6 AX138936
19 1603.6 90.8 5111 6 BD000701
20 1603.6 90.8 5185 6 AX138928
21 1603.6 90.8 5185 6 BD000693
22 1603.6 90.8 5188 6 AX138940
23 1603.6 90.8 5188 6 BD000705
24 1603.6 90.8 5254 6 AX138941
25 1603.6 90.8 5254 6 BD000706
26 1594.2 90.2 4779 6 AX080955
27 1594.2 90.2 5310 6 AX080989
28 1594.2 90.2 5322 6 AX080956
29 1583 89.6 4928 12 AF425297
30 1581 89.5 4928 6 AR141727
31 1581 89.5 4928 6 I49690
32 1579 89.4 4622 6 AX299128
33 1574.4 89.1 3610 6 AX030966
34 1572.8 89.0 4864 6 AX029455
35 1572 89.0 5130 12 AF286076
36 1571 88.9 9918 12 AF430344
37 1562.2 88.4 6709 6 AX080952
38 1562.2 88.4 6729 6 AX080954
39 1562.2 88.4 7528 6 AX080953
40 1560.8 88.3 5676 6 AR064322
41 1560.8 88.3 5676 6 BD008818
42 1560.8 88.3 5682 6 AR064323
43 1560.8 88.3 5682 6 BD008819
44 1560.8 88.3 5900 6 AR064320
45 1560.8 88.3 5900 6 BD008816

ALIGNMENTS

RESULT 1
A01324 2129 bp DNA linear PAT 02-MAR-1993
LOCUS Human cytomegalovirus synthetic 5' UTR (reverse complement) of
DEFINITION HCMV-MIE DNA.
ACCESSION A01324
VERSION A01324.1 GI:14759
KEYWORDS
SOURCE human herpesvirus 5.
ORGANISM human herpesvirus 5.
Virus: dsDNA viruses, no RNA stage; Herpesviridae;
Betaherpesvirinae; Cytomegalovirus.
REFERENCE 1 (bases 1 to 2129)
AUTHORS RECOMBINANT DNA EXPRESSION VECTORS
TITLE Patent: WO 8901036-A 2 09-FEB-1989;
JOURNAL Location/Qualifiers
FEATURES
source
BASE COUNT 587 a 518 c 508 g 516 t
ORIGIN

Query Match 95.9% Score 1695.2; DB 6; Length 2129;
 Best Local Similarity 97.8% Pred. No. 0;
 Matches 1729; Conservative 0; Mismatches 38; Indels 1; Gaps 1;

QY 1 ATATGAGGCTATATCGCGATAGAGGCGACATCAAGCGGACATGCGCAATGCAATTCG 60
 DB 1773 ATATGAGGCTATATCGCGATAGAGGCGACATCAAGCGGACATGCGCAATGCAATTCG 1714

QY 61 ATCTATACATTAATCAATTAATAGCAATTAATAGCAATTAATAGCAATTAATAGCAATTA 120
 DB 1713 ATCTATACATTAATCAATTAATAGCAATTAATAGCAATTAATAGCAATTAATAGCAATTA 1654

QY 121 ATCAATATTGGCTATTGGCCATTGCAATGCAATGCAATGCAATGCAATGCAATGCAATTA 180
 DB 1653 ATCAATATTGGCTATTGGCCATTGCAATGCAATGCAATGCAATGCAATGCAATGCAATTA 1594

QY 181 ATGGGCCATGTCATATGACGCGCATGTCATGCAATGCAATGCAATGCAATGCAATGCAATTA 240
 DB 1593 ATGGGCCATGTCATATGACGCGCATGTCATGCAATGCAATGCAATGCAATGCAATGCAATTA 1534

QY 241 TAATCAATTAACGGGCTATTAGTTCATACCCCATATATGATGCAATGCAATGCAATGCAATTA 300
 DB 1533 TAATCAATTAACGGGCTATTAGTTCATACCCCATATATGATGCAATGCAATGCAATGCAATTA 1474

QY 301 ACGGTAATGCGCCGCTGCGTACCGCCCAAGCGCCCGCCCATGACGTCATATATG 360
 DB 1473 ACGGTAATGCGCCGCTGCGTACCGCCCAAGCGCCCGCCCATGACGTCATATATG 1414

QY 361 ACGTATGTTCCCATAGTATAGCGCAATAGGCACTTCCATGACGTCATATAGGTCGATAT 420
 DB 1413 ACGTATGTTCCCATAGTATAGCGCAATAGGCACTTCCATGACGTCATATAGGTCGATAT 1354

QY 421 TTACGGTAATGCGCCGCTGCGTACCGCCCAAGCGCCCGCCCATGACGTCATATATG 480
 DB 1353 TTACGGTAATGCGCCGCTGCGTACCGCCCAAGCGCCCGCCCATGACGTCATATATG 1294

QY 481 ATTGAGCTCAATGAGCGTAATGAGCGCGCTGCGTACCGCCCAAGCGCCCGCCCATGACGTCATAT 540
 DB 1293 ATTGAGCTCAATGAGCGTAATGAGCGCGCTGCGTACCGCCCAAGCGCCCGCCCATGACGTCATAT 1234

QY 541 GAGTTTCCTACTTGGCAATGCAATGCAATGCAATGCAATGCAATGCAATGCAATGCAATTA 600
 DB 1233 GAGTTTCCTACTTGGCAATGCAATGCAATGCAATGCAATGCAATGCAATGCAATGCAATTA 1174

QY 601 TTTTGGCAATGCAATGCAATGCAATGCAATGCAATGCAATGCAATGCAATGCAATGCAATTA 660
 DB 1173 TTTTGGCAATGCAATGCAATGCAATGCAATGCAATGCAATGCAATGCAATGCAATGCAATTA 1114

QY 661 CACCCCATGAGCGTAATGAGCGCGCTGCGTACCGCCCAAGCGCCCGCCCATGACGTCATATATG 720
 DB 1113 CACCCCATGAGCGTAATGAGCGCGCTGCGTACCGCCCAAGCGCCCGCCCATGACGTCATATATG 1054

QY 721 TGTGTAATTAACCGCGCGCTGCGTACCGCCCAAGCGCGCGTACCGCCCAAGCGCGCGTACCGT 780
 DB 1053 TGTGTAATTAACCGCGCGCTGCGTACCGCCCAAGCGCGCGTACCGCCCAAGCGCGCGTACCGT 944

QY 781 TATATAAGCAGAGCTGTTAGTGAACCGCTGAGATGCGCTGAGAGCGCCATGCAAGCGTGT 840
 DB 943 TATATAAGCAGAGCTGTTAGTGAACCGCTGAGATGCGCTGAGAGCGCCATGCAAGCGTGT 924

QY 841 TTGACCTCCATAGAGCAACCGGAGCGCATGACGCGCGCGCGCGCGAGAGCGTATGATT 900
 DB 933 TTGACCTCCATAGAGCAACCGGAGCGCATGACGCGCGCGCGCGAGAGCGTATGATT 874

QY 901 GGAACCGGATTCGCCGTCAGAGAGTGAAGTGAAGTGAAGTGAAGTGAAGTGAAGTGAAGTGA 960
 DB 873 GGAACCGGATTCGCCGTCAGAGAGTGAAGTGAAGTGAAGTGAAGTGAAGTGAAGTGAAGTGA 814

QY 961 ACCGCTTTGGC-TCTTATGATGCTATGCTTTTGGCTTTGGGCTTTAGACCGCGC 1019
 DB 813 ACCGCTTTGGC-TCTTATGATGCTATGCTTTTGGCTTTGGGCTTTAGACCGCGC 754

QY 1020 TTGCTTAATGCTATAGTGAATGCTATAGCTTAATGAGCGTGGGCTATTAGACCAATTAT 1079

DB 753 TTGCTTAATGCTATAGTGAATGCTATAGCTTAATGAGCGTGGGCTATTAGACCAATTAT 694

QY 1080 TGACCACTCCGCTATGAGTGAATGCTATAGCTTAATGAGCGTGGGCTATTAGACCAATTAT 1139

DB 693 TGACCACTCCGCTATGAGTGAATGCTATAGCTTAATGAGCGTGGGCTATTAGACCAATTAT 634

QY 1140 CACACTATGCTATGAGTGAATGCTATAGCTTAATGAGCGTGGGCTATTAGACCAATTAT 1199

DB 633 CACACTATGCTATGAGTGAATGCTATAGCTTAATGAGCGTGGGCTATTAGACCAATTAT 574

QY 1200 TGTATTTTACAGATGAGGCTCCATTTATTTTACCAATGCAATGCAATGCAATGCAATGCAATTA 1259

DB 573 TGTATTTTACAGATGAGGCTCCATTTATTTTACCAATGCAATGCAATGCAATGCAATGCAATTA 514

QY 1260 GTCCCG 1319

DB 513 GTCCCG 454

QY 1320 ACGTGTTCGAGCATGAGGCTCTTCCGCTAGAGCGGATGAGGCGCTTCCAGATCCGAGCGCTTG 1379

DB 453 ACGTGTTCGAGCATGAGGCTCTTCCGCTAGAGCGGATGAGGCGCTTCCAGATCCGAGCGCTTG 394

QY 1380 TCCCATGCGCTCCAGCGCATGAGGCTCTTCCGCTAGAGCGGATGAGGCGCTTCCAGATCCGAGCGCTTG 1439

DB 393 TCCCATGCGCTCCAGCGCATGAGGCTCTTCCGCTAGAGCGGATGAGGCGCTTCCAGATCCGAGCGCTTG 334

QY 1440 AGACTTACGAGCAGCAGTATGCGCAGCAGCAGCAGCAGCAGCAGCAGCAGCAGCAGCAGCAGT 1499

DB 333 AGACTTACGAGCAGCAGTATGCGCAGCAGCAGCAGCAGCAGCAGCAGCAGCAGCAGCAGCAGT 274

QY 1500 GGGTATGCTGTAATGAGTTCGAGTTCGAGTTCGAGTTCGAGTTCGAGTTCGAGTTCGAGTTCGAGT 1559

DB 273 GGGTATGCTGTAATGAGTTCGAGTTCGAGTTCGAGTTCGAGTTCGAGTTCGAGTTCGAGTTCGAGT 214

QY 1560 CTTAAGGAGGCGGAGT 1619

DB 213 CTTAAGGAGGCGGAGT 154

QY 1620 GAGTACTCCGCTGCGGCTGCTGTTAAAGGCGGAGGAGGAGGAGGAGGAGGAGGAGGAGGAGGAGT 1679

DB 153 GAGTACTCCGCTGCGGCTGCTGTTAAAGGCGGAGGAGGAGGAGGAGGAGGAGGAGGAGGAGGAGT 94

QY 1680 GTTGTGCG 1739

DB 93 GTTGTGCG 34

QY 1740 ATGGGCTTTTCTGCAATGCAATGCAATGCAATGCAATGCAATGCAATGCAATGCAATGCAATTA 1767

DB 33 ATGGGCTTTTCTGCAATGCAATGCAATGCAATGCAATGCAATGCAATGCAATGCAATGCAATTA 6

RESULT 2

A01323

LOCUS A01323 2133 bp DNA linear PAT 08-FEB-1993

DEFINITION Human cytomegalovirus synthetic 5' UTR of hCMV-MIE DNA.

ACCESSION A01323

VERSION A01323.1 GI:14758

KEYWORDS

SOURCE

ORGANISM

human herpesvirus 5.

human herpesvirus 5.

Vituses; dsDNA viruses, no RNA stage; Herpesviridae; Betaherpesvirinae; Cytomegalovirus.

REFERENCE

1 (bases 1 to 2133)

AUTHORS

RECOMBINANT DNA EXPRESSION VECTORS

TITLE Patent: WO 8901036-A 1 09-FEB-1989;

JOURNAL

FEATURES

source

1..2133

/organism="human herpesvirus 5"

/db_xref="taxon:10359"

1..2133

/note="promoter-enhancer hCMV MIE"

5' UTR

Y 961 ACCCCCTTGGC-TCTATGCATGCTACTGTTTTGCGTCGCCCTATTACCCCCCCC

D	b	1317	ACCCCTTGCGCTTTATTCGACTATACGTGTTTTGGCTGGGGTCTATACACCCTGC	1376
O	y	1020	TTCCTTAGCTAGTAGTAGTAGTAGTAGTACCTAATAGAGCTGGGTATTGACCACTTA	1079
D	b	1377	TTCCCATGATTATAGTAGTAGTAGTAGTAGTAAAGCTTAAGTGGGTTATTGACCTTA	1436
O	y	1080	TGACCACTGCCCTTAGTGTGAGCAGTACTTCCATCTACTATCATACATAGCTCTTTGC	1139
D	b	1437	TGACCACTGCCCTTAGTGTGAGCAGTACTTCCATCTACTATCATACATAGCTCTTTGC	1496
O	y	1140	CACACATCTCTATTGGCTATATGCCATACTCTCTCTAGAGACTACAGGACTC	1199
D	b	1497	CACAACCTCTTTATTGGCTAATATCCAACTACTCTCTTAGAGACTACAGGACTC	1556
O	y	1200	TGTATTTTACAGATAGGGGTCCCCTTATTATTTCAAATTCACATATCACAAAGCC	1259
D	b	1557	TGTATTTTACAGATAGGGGTCCCCTTATTATTTCAAATTCACATATCACAAAGCC	1616
O	y	1260	GTCGCCGTGCCCGGAGTTTTTATTAACATACGCTGGATCTCCACCGAATCTCGGT	1314
D	b	1617	GTCGCCGTGCCCGGAGTTTTTATTAACATACGCTGGATCTCCACCGAATCTCGGT	1674
O	y	1320	ACGTGTCCGGAATGGGCTCTCCCGTAGAGGCTGGGGCTTCACATCCAGCCCTGG	1379
D	b	1677	ACGTGTCCGGAATGGGCTCTCCCGTAGAGGCTGGGGCTTCACATCCAGCCCTGG	1736
O	y	1380	TCCCATGCTCCAGGACTCAATGGTGGCTGGGACTCTTGCTCCAACAGTGGAGCC	1439
D	b	1737	TCCCATGCTCCAGGACTCAATGGTGGCTGGGACTCTTGCTCCAACAGTGGAGCC	1796
O	y	1440	AGACTTGGGACAGACATATCCACCACACCACTGTCGCGACAAGCCCTGCGGTA	1459
D	b	1797	AGACTTGGGACAGACATATCCACCACACCACTGTCGCGACAAGCCCTGCGGTA	1856
O	y	1500	GAGTATGTGTGAAAATGAGCTGGAGATCGGAGCTGCGACCGGTAGGCAATGGAGA	1559
D	b	1857	GAGTATGTGTGAAAATGAGCTGGAGAGCGGCTTGACCGCTACCCATTGGAGA	1916
O	y	1560	CTTAGGACAGCGGCAAGAAAGCGAGGACGACTGATGTGTCTGATTAAGACTA	1619
D	b	1917	CTTAGGACAGCGGCAAGAAAGCGAGGACGACTGATGTGTCTGATTAAGACTA	1976
O	y	1620	GAGTAACTCCGCTTGGGCTGCTGTTAACGCTGAGAGCGAGTACTGAGCAGTACTC	1679
D	b	1977	GAGTAACTCCGCTTGGGCTGCTGTTAACGCTGAGAGCGAGTACTGAGCAGTACTC	2036
O	y	1680	GTTGCTGCGCGCGCGCCACACACATATACTGACAGACTACGAGACTGTCCTTGC	1739
D	b	2037	GTTGCTGCGCGCGCGCCACACACATATACTGACAGACTACGAGACTGTCCTTGC	2096
O	y	1740	ATGGGCTCTTTCTGAGAGTCAAGCTCTT	1767
D	b	2097	ATGGGCTCTTTCTGAGAGTCAAGCTCTT	2124
<hr/>				
RESULT 3				
LOCUS	AX027785	11795 bp	DNA	linear PAT 16-SEP-2000
DEFINITION	Sequence 4 from Patent WO0043527.			
ACCESSION	AX027785			
VERSION	AX027785.1 GI:10186633			
KEYWORDS	.			
SOURCE	synthetic construct.			
ORGANISM	artificial sequence. 1 (bases 1 to 11795)			
REFERENCE	Bollen,A., Jacobs,P., Jacquet,A., Haumont,M. and Massser,M.G.			
AUTHORS	Variella-zoster virus vaccines			
TITLE	Patent: WO 0043527-A 4 27-JUL-2000;			
JOURNAL	SMITHKLINE BEECHAM BIOLOG (BE) ; BOLLEN ALEX (BE) ; JACOBS PAUL (BE) ; JACQUET ALAIN (BE) ; HAUMONT MICHELE (BE) ; MASSAER MARC GEORGES FRANCIS (BE)			
Location/7013134400				

QY 1500 GGTATGTCGTAAGAAATGACGTGAGATGGGCTCGACCCGTACACCATGAGAGA 1559
 Db 173039 GGGTATGTCGTGAAATGACGTGAGATGGGCTCGACCCGTACACCATGAGAGA 172980
 QY 1560 CTTAAGGACGGCGAGAAAGACGACGACCTAGTGTGTGTGTGATAGAGTCA 1619
 Db 172979 CTTAAGGACGGCGAGAAAGACGACGACCTAGTGTGTGTGTGATAGAGTCA 172920
 QY 1620 GAGTAATCCGCTGGGCTGCTGTAAAGGTGGAGGCGGTAGTGTGAGCAGTACTC 1679
 Db 172919 GAGTAATCCGCTGGGCTGCTGTAAAGGTGGAGGCGGTAGTGTGAGCAGTACTC 172860
 QY 1680 GTTGGTGGCGGGCGCGCCACGACACATAATAGTGTGACAGACTAGTGTGCTTCC 1739
 Db 172859 GTTGGTGGCGGGCGCGCCACGACACATAATAGTGTGACAGACTAGTGTGCTTCC 172800
 QY 1740 ATGGGCTCTTTCTGACGTACGCTCTT 1767
 Db 172799 ATGGGCTCTTTCTGACGTACGCTCTT 172772

RESULT 9
 HSMIEP
 LOCUS
 DEFINITION Human cytomegalovirus major immediate-early protein gene, 5' end.
 ACCESSION M60321.1 GI:330624
 VERSION
 KEYWORDS immediate-early protein.
 SOURCE Human cytomegalovirus DNA.
 ORGANISM
 Viruses; dsDNA viruses, no RNA stage; Herpesviridae;
 Betaherpesvirinae; Cytomegalovirus.
 1 (bases 1 to 2361)
 AUTHORS Chapman,B.S., Thayer,R.M., Vincent,K.A. and Halgwood,N.L.
 TITLE Effect of intron A from human cytomegalovirus (Towne) immediate
 early gene on heterologous expression in mammalian cells
 JOURNAL Nucleic Acids Res. 19:3937-3986 (1991)
 FEATURES
 source
 1. 2361
 /organism="human herpesvirus 5"
 /db_xref="taxon:10359"
 119..148
 /rpt_family="inverted repeat"
 183..211
 /rpt_family="inverted repeat"
 534..1086
 /rpt_family="inverted repeat"
 1115..1120
 /join(1144..1264,2089..2176,2289..2361)
 1144..1264
 /number=1
 1265..2088
 /number=1
 2089..2176
 /number=2
 /join(2106..2176,2289..2361)
 /partial
 /note="68-72 kDa major immediate-early protein"
 /protein_id="AA45982.1"
 /db_xref="GI:330625"
 /translation="MESSAKRKMDPDNDPSSSKYRPETPVTKATTFLOTMLRKEY
 NSOL"
 2177..2288
 /number=2
 2289..2361
 /number=3

BASE COUNT 571 a 567 c 574 g 649 t
 ORIGIN

Query Match 95.8% Score 1692.8; DB 14; Length 2361;
 Best Local Similarity 98.8%; Pred. No. 0;
 Matches 1747; Conservative 0; Mismatches 17; Indels 4; Gaps 4;

QY 1 ATATGAGCTATATCGCGATAGAGCGCACATGACCGGCACATGGCAATCCATATG 60
 Db 335 ATATGAGCTATATCGCGATAGAGCGCACATGACCGGCACATGGCAATCCATATG 394
 QY 61 ATCTATATGATGATCAATATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 120
 Db 395 ATCTATATGATGATCAATATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 454
 QY 121 ATCAATATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 180
 Db 455 ATCAATATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 514
 QY 181 ATGGCCCATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 240
 Db 515 ATGGCCCATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 574
 QY 241 TATATATATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 307
 Db 575 TATATATATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 634
 QY 301 ACAGTAATGAGCGCGCTGCTGACCGCCAAAGACCGCCCGCATGACGCAATATG 365
 Db 635 ACAGTAATGAGCGCGCTGCTGACCGCCAAAGACCGCCCGCATGACGCAATATG 693
 QY 361 AGTATGTCCTCATAGTATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 420
 Db 694 AGTATGTCCTCATAGTATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 753
 QY 421 TTACGTAATGAGCGCGCTGCTGACCGCCAAAGACCGCCCGCATGACGCAATATG 479
 Db 754 TTACGTAATGAGCGCGCTGCTGACCGCCAAAGACCGCCCGCATGACGCAATATG 813
 QY 480 TATGACGTAATGAGCGCGCTGCTGACCGCCAAAGACCGCCCGCATGACGCAATATG 539
 Db 814 TATGACGTAATGAGCGCGCTGCTGACCGCCAAAGACCGCCCGCATGACGCAATATG 873
 QY 540 GGACCTTCTCTGAGTATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 599
 Db 874 GGACCTTCTCTGAGTATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 933
 QY 600 GTTGGGACGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 659
 Db 934 GTTGGGACGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 993
 QY 660 CCACCCATTGAGTATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 719
 Db 994 CCACCCATTGAGTATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 1034
 QY 720 ATGTGTAATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 776
 Db 1054 ATGTGTAATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 1113
 QY 780 CTATATAGAGAGCTGTTAGTATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 839
 Db 1114 CTATATAGAGAGCTGTTAGTATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 1173
 QY 840 TTTGAGCTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 899
 Db 1174 TTTGAGCTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 1233
 QY 900 TGAACGCGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 959
 Db 1234 TGAACGCGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 1293
 QY 960 CACCCCTTGGCTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 1019
 Db 1294 CACCCCTTGGCTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 1353
 QY 1020 TTCTATATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 1079
 Db 1354 TTCTATATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 1412

QY 1080 TGACCACTGCCCTATGATGAGCATCTTCCATTACTAATCCATAACATGCTCTTTCG 1139
DB 1413 TGACCACTGCCCTATGATGAGCATCTTCCATTACTAATCCATAACATGCTCTTTCG 1472
QY 1140 CAGCACTATCTCTATGCTATATGCCAATACCTGCTCCAGAGATGACAGGATC 1199
DB 1473 CAGCACTATCTCTATGCTATATGCCAATACCTGCTCCAGAGATGACAGGATC 1532
QY 1200 TGTATTTTACAGATGGGATGCCATTATATTTTCAATATCCATATCAATCAAGGCT 1239
DB 1533 TGTATTTTACAGATGGGATGCCATTATATTTTCAATATCCATATCAAGGCT 1592
QY 1260 GTCCCGCGCGCGCGCGCTTTTATTAACAATACGCGGATCTCCAGCAATCTGGGT 1319
DB 1593 GTCCCGCGCGCGCGCGCTTTTATTAACAATACGCGGATCTCCAGCAATCTGGGT 1652
QY 1320 AGCTGTCCGAGATGGGCTCTTCCGATAGGCGGCTTCCAGATCCGAGCCCTTG 1379
DB 1653 AGCTGTCCGAGATGGGCTCTTCCGATAGGCGGCTTCCAGATCCGAGCCCTTG 1712
QY 1380 TCCCATGCTCCAGGACTCATGCTGCTGGGAGCTCCCTGCTCCAGAGATGAGGCT 1439
DB 1713 TCCCATGCTCCAGGACTCATGCTGCTGGGAGCTCCCTGCTCCAGAGATGAGGCT 1772
QY 1440 AGACTTAGGACAGCAGATGCGCCACACAGGAGTGGCGGCAAGGCGCTGGCGGTA 1499
DB 1773 AGACTTAGGACAGCAGATGCGCCACACAGGAGTGGCGGCAAGGCGCTGGCGGTA 1832
QY 1500 GGGTATGCTCTGTAATAATGAGCTGGAGATGGGCTCGCACCGCTGACAGATGGAAGA 1559
DB 1833 GGGTATGCTCTGTAATAATGAGCTGGAGATGGGCTCGCACCGCTGACAGATGGAAGA 1891
QY 1560 CTTAAGGACAGCGCAGAGAAGACGCGAGAGTGGTGTGTTGTTGATGAAGTCA 1619
DB 1892 CTTAAGGACAGCGCAGAGAAGACGCGAGAGTGGTGTGTTGTTGATGAAGTCA 1951
QY 1620 GAGGTAACTCCGCTGGCGCTGTTAAGCGTGGGAGGCGAGTCTGACAGTACTC 1679
DB 1952 GAGGTAACTCCGCTGGCGCTGTTAAGCGTGGGAGGCGAGTCTGACAGTACTC 2011
QY 1680 GTTGTGCGCGCGCGCGCGCAGACATATAGTACAGAGTGGTGTGTTGTTGATGAAGTCA 1739
DB 2012 GTTGTGCGCGCGCGCGCGCAGACATATAGTACAGAGTGGTGTGTTGATGAAGTCA 2071
QY 1740 ATGGGCTTTTCTGAGTCAACGCTCTT 1767
DB 2072 ATGGGCTTTTCTGAGTCAACGCTCTT 2099

RESULT 10
CVD64448
LOCUS CVD64448 7995 bp DNA circular SYN 22-OCT-1996
DEFINITION Cloning vector pCMTLacti from lacswitch II system, complete
sequence.
ACCESSION U64448
VERSION U64448.1 GI:1515453
KEYWORDS
SOURCE Cloning vector pCMTLacti.
ORGANISM Cloning vector pCMTLacti
REFERENCE 1 (bases 1 to 7995)
AUTHORS Wyporski, D. L.
TITLE Direct Submission
JOURNAL Submitted (18-JUN-1996) Genetic Systems, Stratagene, 11011 North
Torrey Pines Road, La Jolla, CA 92037, USA
FEATURES
source Location/Qualifiers
1..7995
/organism="Cloning vector pCMTLacti"
/plasmid="pCMTLacti"
/db_xref="taxon:50944"
2685..3803
/gene="lacti"
2685..3803

QY 1 1ATGAGGCTATATGCGCATGAGGACATCAAGCGCGCATGCGCATGATATG 60
DB 828 ATGAGGCTATATGCGCATGAGGACATCAAGCGCGCATGCGCATGATATG 887
QY 61 ATCTATACATGGAATGCAATATGCGCATGAGGACATCAAGCGCGCATGATATG 120
DB 888 ATCTATACATGGAATGCAATATGCGCATGAGGACATCAAGCGCGCATGATATG 947
QY 121 ATCAATATGCGCATGAGGACATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 180
DB 948 ATCAATATGCGCATGAGGACATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 1007
QY 181 ATGCGCGCATGCGCATGAGGACATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 240
DB 1008 ATGCGCGCATGCGCATGAGGACATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 1067
QY 241 TATGCAATGAGGACATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 300
DB 1068 TATGCAATGAGGACATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 1127
QY 301 ACGGTAATGCGCGCGCTGCGTGAAGCGCGCGCGCGCGCGCGCGCGCGCGCGCGCG 360
DB 1128 ACGGTAATGCGCGCGCTGCGTGAAGCGCGCGCGCGCGCGCGCGCGCGCGCGCGCG 1186
QY 361 ACGGTAATGCGCGCGCTGCGTGAAGCGCGCGCGCGCGCGCGCGCGCGCGCGCGCGCG 420
DB 1187 ACGGTAATGCGCGCGCTGCGTGAAGCGCGCGCGCGCGCGCGCGCGCGCGCGCGCGCG 1246
QY 421 TTAGGTAATGCGCGCGCTGCGTGAAGCGCGCGCGCGCGCGCGCGCGCGCGCGCGCGCG 479
DB 1247 TTAGGTAATGCGCGCGCTGCGTGAAGCGCGCGCGCGCGCGCGCGCGCGCGCGCGCGCG 1306
QY 480 TATTGAGTCAATGAGGACATGAGGACATGAGGACATGAGGACATGAGGACATGAGGACAT 539
DB 1307 TATTGAGTCAATGAGGACATGAGGACATGAGGACATGAGGACATGAGGACATGAGGACAT 1366
QY 540 GGAATTTCTACTTGGGAGTATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 599
DB 1367 GGAATTTCTACTTGGGAGTATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 1426